

日本国特許庁 JAPAN PATENT OFFICE

25. 2. 2004

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出 願 年 月 日
Date of Application:

2003年 2月26日

出 願 番 号 Application Number:

特願2003-048658

[ST. 10/C]:

[JP2003-048658]

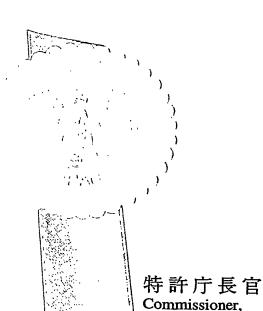
REC'D 13 APR 2004

WIPO

出 願 人
Applicant(s):

独立行政法人。科学技術振興機構

国立がんセンター総長



Japan Patent Office

PRIORITY DOCUMENT

SUBMITTED OR TRANSMITTED IN COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

2004年 3月25日

今 井 康



【書類名】

特許願

【整理番号】

PS03-1259

【あて先】

特許庁長官殿

【発明者】

【住所又は居所】

東京都中央区築地5-1-1 国立がんセンター研究所

放射線研究部内

【氏名】

江成 政人

【発明者】

【住所又は居所】

東京都中央区築地5-1-1 国立がんセンター研究所

放射線研究部内

【氏名】

田矢 洋一

【特許出願人】

【持分】

050/100

【識別番号】

396020800

【氏名又は名称】

科学技術振興事業団

【特許出願人】

【持分】

050/100

【識別番号】

590001452

【氏名又は名称】

国立がんセンター総長

【代理人】

【識別番号】

100087631

【弁理士】

【氏名又は名称】

滝田 清暉

【選任した代理人】

【識別番号】

100110249

【弁理士】

【氏名又は名称】 下田 昭

ページ: 2/E

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 011017

【納付金額】 10,500円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】 要約書 1

【その他】 国以外の全ての者の持分の割合 50/100

【プルーフの要否】 要



【書類名】 明細書

【発明の名称】

癌細胞のアポトーシスを誘導する転写因子

【特許請求の範囲】

【請求項1】 p53又はその1個若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若 しくは付加された変異p53、及びクラスリン重鎖から成る、癌細胞のアポトー シスを誘導する転写因子。

【請求項2】 前記変異p53が、少なくとも46位のSerが置換された p53である請求項1又に記載の転写因子。

【請求項3】 前記変異p53が、その46位のSerがPheに置換され ている請求項2に記載の転写因子。

【請求項4】 請求項1~3のいずれか一項に記載の転写因子を有効成分と する癌の治療薬。

【発明の詳細な説明】

[0001]

【発明の属する技術分野】

この発明は、癌細胞のアポトーシスを誘導する転写因子に関する。

[0002]

【従来の技術】

癌抑制遺伝子p53はp21、p53R2又はp53AIP1等の標的遺伝子 のDNA配列に特異的に結合して、その転写活性を制御する転写因子であり、近 年p53の関与する細胞癌化のメカニズムは詳しく研究されてきている(非特許 文献1)。p53が制御する標的遺伝子の中で、p53AIP1はミトコンドリ アに局在するタンパク質で、ミトコンドリアの膜電位とシトクロム c の放出を制 御することで正のアポトーシス作用を有している(非特許文献2,3)。このp 53 AIP1はp53によるアポトーシス誘導に重要な役割を持つSer46の リン酸化(特願2001-292953)に強い相関を示し、p53AIP1遺 伝子の発現により癌細胞のアポトーシスが誘導される。例えば、DNAが損傷さ れる等の強いストレスを受けると、転写因子p53のSer46がp53DIN P1等の働きによりリン酸化を受け、p53AIP1の発現が誘発され、癌細胞



のアポトーシスが誘導されると考えられている (非特許文献1)。

[0003]

一方、癌細胞のアポトーシスを誘導することを目的として、シスプラチンなどの抗癌剤が使用されているが、ほとんどがDNAに傷をつけることによってアポトーシスを誘導するものである。そのため、正常細胞のDNAにも傷がついて副作用が現れる。癌の放射線療法も同様に正常細胞のDNAに傷がついて副作用が現れる。

この他にも、p53の遺伝子や、p53によって誘導されてアポトーシスを誘導するBaxやp53A1P1などの遺伝子をアデノウィルスベクターに組み込んで癌細胞に感染させ、アポトーシスを誘導させて死滅させようという試みもなされてはいるが、よい結果が得られているとはいえない。

[0004]

【非特許文献1】

細胞工学 vol. 22, No.1, 23-28 (2003)

【非特許文献2】

Oda K. et al., Cell, Vol.102, 849-862, 2000

【非特許文献3】

Matsuda K. et al., Cancer Res., Vol. 62, 2883-2889, 2002

[0005]

【発明が解決しようとする課題】

この発明は、癌細胞にのみアポトーシスを誘導して死滅させる新しい癌治療の 手段を提供することを目的とする。

[0006]

【課題を解決するための手段】

本発明者らは、上記課題を解決すべく鋭意研究を行った結果、癌細胞からp53の発現に伴ってクラスリン重鎖と見られる約170kDaのタンパク質が共沈殿してくることを見出し、クラスリン重鎖のcDNAを発現ベクターに導入して癌細胞の核内へトランスフェクトすると、p53AIP1プロモーターの転写能を高めることを見出した。このような結果から、このクラスリン重鎖とp53と



が結合して転写因子を構成し、p53AIP1プロモーターの転写能を高め、癌 細胞のアポトーシスを誘導すると結論された。

[0007]

即ち、本発明は、p53 (配列番号1) 又はその1個若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加された変異p53、及びクラスリン重鎖(配列番号2)から成る、癌細胞のアポトーシスを誘導する転写因子である。これらは、ヒト等の組織や細胞から抽出・精製して取り出して用いてもよいし、これらをコードするDNAを含む形質転換体を培養して得て用いてもよい。

また、前記変異p53は、少なくとも46位のSerが置換されたp53であってもよく、特にその46位のSerがPheに置換されていることが好ましい。

また本発明は、この転写因子を有効成分とする癌の治療薬である。

[0008]

【発明の実施の形態】

クラスリンには重鎖と軽鎖とがあり、普通は細胞表面から内部への物質の取り込みであるエンドサイトーシスに働く。しかし、本研究の結果、発明者らは、このクラスリン重鎖が、図1に示すように、癌細胞の中で軽鎖とは結合せずに p 5 3 と結合して p 5 3 の転写活性化能を高め、アポトーシスを強く誘導することを見出した。特に、 p 5 3 のセリン 4 6 をフェニルアラニンに置換した p 5 3 とは特に強く結合してアポトーシスも強く誘導する。

本発明の転写因子を何らかの方法で癌細胞に注入するか、又はクラスリン重鎖のみを何らかの方法で癌細胞に注入し癌細胞中に存在する p 5 3 と結合させることにより、癌細胞にアポトーシスを誘導して死滅させることができる。

このような転写因子を利用すれば、正常細胞には傷をつけないで、癌細胞にの み特異的に、従来の方法よりも効果的にアポトーシスを誘導させて死滅させるこ とが可能になり、従来の方法よりも効率のよい癌治療法になる。

[0009]

【実施例】

以下、実施例にて本発明を例証するが、本発明を限定することを意図するもの



ではない。

試験例1

この試験例では、以後の試験で用いる下記5種のベクター(これらを総称して「pcDNA-p53-f」という。)を作成した。

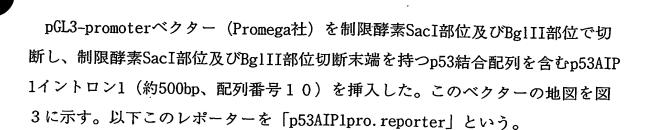
- (i) 野生型ヒトp53遺伝子をpcDNA3プラスミド (Invitrogen社、図2 参照) に挿入した野生型ヒトp53発現ベクター (以下「WT-p53」という。)
- (ii) 46位のSerをAlaに置き換えた変異型ヒトp53遺伝子をpcDNA3プラスミドに挿入した変異ヒトp53発現ベクター (以下「S46A-p53」という。)
- (iii) 46位のSerをAspに置き換えた変異型ヒトp53遺伝子をpcDNA3プラスミドに挿入した変異ヒトp53発現ベクター (以下「S46D-p53」という。)
- (iv) 46位のSerをPheに置き換えた変異型ヒトp53遺伝子をpcDNA3プラスミドに挿入した変異ヒトp53発現ベクター(以下「S46F-p53」という。)
- (v) 44~63位を欠失させた変異型ヒトp53遺伝子をpcDNA3プラスミドに挿入した変異ヒトp53発現ベクター(以下「44-63-p53」という。) 以上のベクターを以下の手順で作成した。

各種pcDNA-p53-fは、まずpcDNA3プラスミド(Invitrogen社)を制限酵素XhoI 部位及びXbaI部位で切断し、9アミノ酸残基からなるFlag配列(GDYKDDDDK)をコードする二本鎖DNA(配列番号8)を挿入した(pcDNA-f)。作製したpcDNA3-fプラスミドの制限酵素BamHI部位及びXhoI部位を切断し、BamHI部位及びXhoI部位切断末端を持つ野生型ヒトp53遺伝子(配列番号9)又は変異型ヒトp53遺伝子を挿入した(pcDNA-p53-f)。これらベクターの地図を図2に示す。

[0010]

<u>試験例 2</u>

この試験例では、p53AIP1遺伝子イントロン1内にあるp53結合配列を含む約500 bpをpGL3-promoterベクター (Promega社) のluciferase遺伝子の上流へ挿入したレポータープラスミドを作成した。



[0011]

試験例3

試験例1と同様の操作で、クラスリン重鎖遺伝子(かずさDNA研究所から分与、配列番号11)をpcDNA3プラスミド(Invitrogen社、図2参照)に挿入して、クラスリン重鎖発現ベクター(以下「pc-CHC」という。)を作成した。このベクターの地図を図4に示す。

[0012]

試験例4

この試験例では、試験例1で用意した5種の発現ベクターをヒト骨肉腫由来細胞にトランスフェクトし、その細胞抽出物を調べた。

試験は以下の手順で行った。

- 1)7 X 10⁴個のSaos-2細胞(骨肉腫由来)を24穴プレートに蒔き、一晩培養した。
- 2) トランスフェクションするためのDNAを、試験例 1 と試験例 2 で用意したpcD NA-p53-fとp53AIP1pro. reporterを用いて、表 1 のように調製した。加えた各pcD NA-p53-fは $0 \sim 3$ 0 n g用い、pcDNA3.1と併せて総量30 ngとした。なお、phRG-TKは、ウミシイタケluciferaseを発現するプラスミド(Promega社、内部コントロール)を示す。トランスフェクションの方法はInvitrogen社のキットに添付されているプロトコールに従った。

【表1】

pcDNA3.1あるいはpcDNA-p53-f 30 ng p53AIP1pro.reporter 100 ng phRG-TK 10 ng Total 140 ng OPTI-MEM 25 μl

OPTI-MEM 25 µl Lipofectamine 2000 0.28 µl

Lipo溶液

DNA溶液

[0013]

- 3) DNA溶液とLipo溶液を混和し、室温で30分間インキュベーションした。
- 4) そのDNA-liposome複合体を1)で調製した細胞に滴下した。
- 5)4時間後、DNA-liposome複合体を除去し、細胞を1 X PBS-で洗浄した。
- 6)トランスフェクションしてから24時間後、細胞を1 X PBS-で洗浄し、Dual l uciferase assay kit (Promega社)を用いて、細胞中のホタルluciferase活性及びウミシイタケluciferase活性(内部コントロール)をそれぞれルミノメーターで測定した。その測定方法は、Promega社のキットに添付されているプロトコールに従って行った。
- 7) pcDNA3.1を導入した細胞抽出液中のホタルluciferase活性をウミシイタケluciferase活性で割った値を1とした時の相対的な活性(Fold Activation)を算出した。

その結果を図5に示す。p53のSer46Phe置換体はp53A1P1プロモーターからの転写を野生型よりもかなり強く誘導することがわかった。

[0014]

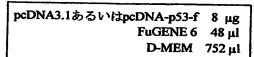
実施例1

この実施例では、試験例1で用意した5種の発現ベクターをヒト非小肺がん由 来細胞にトランスフェクトし、その細胞抽出物を調べた。

試験は以下の手順で行った。

- 1) 9×1 0 6 のH1299細胞(非小肺がん由来)を15 cm ディッシュに蒔き、一晩培養した(10枚)。
- 2) トランスフェクションするためのDNAを表 2 のように調製した。トランスフェクションの方法はRoche Applied Scienceのキットに添付されているプロトコールに従った。

【表2】



ディッシュ1枚当たり

DNA-liposome溶液

[0015]

- 3) そのDNA-liposomeを室温で30分間インキュベーションし、1) で調製した細胞に滴下した。
- 4) トランスフェクションしてから21時間後、細胞をスクレイパーで剥がし、600 x g、5分間低速遠心して細胞を回収した。
- 5) 細胞を1度 X PBS-で洗浄した後、10 mlの表3の下記細胞溶解緩衝液で細胞 を溶解した。

【表3】

細胞溶解緩衝液*

50 mM Tris-HC1 (pH7.2) 150 mM NaCl 2 mM MgCl ₂ 0.1 mM EDTA 0.1 mM EGTA	10 μg/ml pepstatin 10 μg/ml chymostatin 10 μg/ml leupeptin 10 μg/ml E64
0.1 mm EGTA 0.5 mM DTT 1 mM Na ₃ VO ₄	10 μg/ml PMSF 0.1 % NP-40
10 mM NaF	

[0016]

- 6)細胞を超音波破砕後、不溶性画分を15krpm、15分間、4℃で除去した。
- 7) その上清を0.2 mlの抗FLAG抗体アガロースビーズ (Sigma) と一晩インキュベーションした。
- 8) インキュベーション後、ビーズを上記細胞溶解緩衝液で4回洗浄した。
- 9) その後、1.5 mg/ml FLAGペプチドを含む上記細胞溶解緩衝液で競合的にビーズからp53タンパク質溶出した。
- 10) その溶出画分をSDS-PAGE次いで銀染色した。

その結果を図6に示す。その結果、S46F置換体ではp53と一緒に分子量170 k Da のタンパク質が強く共沈澱してくる。これをマススペクトロメトリーにかけてみたところ、LHIIEVGTPPTGNQPFPK、IVLDNS VFSEHR、VANVELYYR、QLPLVKPYLR、及びVDKLDA SESLR(配列番号3~7)のアミノ酸配列が得られた。これらは、それぞれクラスリン重鎖(配列番号2)の228-245、1011-1022、1398-1406、1444-1453、及び1610-1620位に相当する。これは、この170 k Da のタンパク質がクラスリンの重鎖であることを示す。



[0017]

- 11)170kDのタンパク質の同定には銀染色で使われた量の約20倍のタンパク質を濃縮し、SDS-PAGE次いでCBB染色、目的バンドの切り出し、トリプシン消化後、質量分析を用いて行った。
- 12) 10)の実験手順で得られた溶出液の100分の1容をSDS-PAGE次いでPVDF膜に転写後、抗クラスリン重鎖抗体(Transduction Laboratories)あるいは抗p53 抗体(Santa Cruz)を用いたウエスタンブロッティング法を行った。ここではAmersham社のhorseradish peroxidase-抗マウスIgG二次抗体とECLキットを用いてバンドを視覚化した。

その結果を図7に示す。S46F置換体にクラスリン重鎖が特に強く結合することがわかった。

[0018]

試験例5

- この試験例では、実施例1で用いたヒト非小肺がん由来細胞の核抽出物を調べた。試験は以下の手順で行った。
- 1) 15 cmディッシュ一枚分を実施例 1 と同様の手順でトランスフェクションした。
- 2)細胞を回収後、1 mlの表 4 の低張緩衝液 * 1 で細胞を懸濁し、ホモジナイザーで細胞膜を破壊した。



【表4】

低張緩衝液*1

10 mM HEPES-KOH (pH7.9)	10 μg/ml antipain
10 mM KC1	10 μg/ml pepstatin
1.5 mM MgCl ₂	10 μg/ml chymostatin
0.5 mM DTT	10 μg/ml leupeptin
1 mM Na ₃ VO ₄	10 μg/ml E64

高張緩衝液 *2

25 mM HEPES-KOH (pH7.9) 420 mM KC1 10 % glycerol 0.1 mM DTT 1 mM Na ₃ VO ₄	10 μg/ml antipain 10 μg/ml pepstatin 10 μg/ml chymostatin 10 μg/ml leupeptin 10 μg/ml E64
50 mM NaF	10 μg/ml PMSF

[0019]

- 3) それを600 x g、5分間、4℃で低速遠心し、細胞質画分と核画分に分離した。
- 4) 核画分に関しては2)、3) の操作を2回繰り返し、核画分に細胞質由来のタンパク質の持ち込みをできる限り除去した。
- 5)核画分を0.2 mlの表 4 の高張緩衝液 * 2で懸濁し30分間氷上に置き、核からタンパク質を溶出した。
- 6) 10 k x g、5分間、4 ℃で核画分から不溶性画分を除去した。
- 7) 細胞質画分と核画分由来のタンパク質をSDS-PAGE次いでPVDF膜に転写後、抗クラスリン重鎖抗体を用いた実施例1と同様にウエスタンブロッティング法を行った。核画分は細胞質に比べ5倍量の細胞由来のタンパク質を用いた。

その結果を図8に示す。この結果、クラスリンは細胞質でのみ働くと思われていたが、クラスリン重鎖の一部分は核内にも存在することを確認した。

[0020]

実施例2

この実施例では、試験例4の手順のうち2)のトランスフェクションするためのDNAを、試験例3で用意したpc-CHCを用いて、表5のように調製した以外は、試験例4と同様の試験を行った。



【表5】

pcDNA3.1あるいはpcDNA-p53-f 30 ng p53AIP1pro.reporter 100 ng pcDNA3.1あるいはpc-CHC 400 ng phRG-TK 10 ng Total 540 ng OPTI-MEM 25 μl

 $\begin{array}{cc} \text{OPTI-MEM} & 25 \; \mu \text{I} \\ \text{Lipofectamine 2000} & 0.28 \; \mu \text{I} \end{array}$

Lipo溶液

DNA溶液

その結果を図9に示す。上記DNA溶液において、pc-CHC(400ng)を用いたものをClathrin +、pcDNA3.1(400ng)を用いたものをClathrin -と表記する。

クラスリン重鎖の c DNAを発現ベクターに入れて p 5 3 と共にトランスフェクトすると、 p 5 3 A 1 P 1 プロモーターからの転写能を高めたことが認められた。特に、 S 4 6 F 置換体では強く高められた。

[0021]

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> Japan Science and Technology Corporation

<120> 癌細胞のアポトーシスを誘導する転写因子

<130> PS03-1259

<160> 11

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 393

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1

Met Glu Glu Pro Gln Ser Asp Pro Ser Val Glu Pro Pro Leu Ser Gln

1 5 10 15

Glu Thr Phe Ser Asp Leu Trp Lys Leu Leu Pro Glu Asn Asn Val Leu

20 25 30

Se	r Pr	0	Leu	Pre	o Se	r Glı	n Ala	a Me	t Ası	as As	Let	ı Me	t Le	u Se	r Pr	o As
			35					40					45			
Asj	p Il	e	Glu	Glı	n Tr	p Phe	e Th	r Glı	ı Ası	Pro	Gly	7 Pro	o Asj	o Glu	ı Ala	a Pro
	50						. 55					60				
Ar	g Me	t]	Pro	Gli	ı Ala	a Ala	a Pro	Arg	g Val	Ala	a Pro	Ala	a Pro	o Ala	a Ala	a Pro
65						70					75					80
Thi	r Pr	0 1	Ala	Ala	a Pro	o Ala	a Pro	Ala	Pro	Ser	Trp	Pro	Lei	ı Ser	Sei	r Sei
					85					90					95	
Va]	l Pr	0 5	Ser	Gln	Lys	s Thr	Туг	Glr	Gly	Ser	Tyr	Gly	Phe	: Arg	g Leu	ı Gly
				100)				105	•				110)	
Phe	e Lei	u F	lis	Ser	Glz	7 Thr	Ala	Lys	Ser	Val	Thr	Cys	Thr	· Tyr	Ser	Pro
		1	l15					120	1				125	;		
Ala	ı Lei	ı A	lsn	Lys	Met	Phe	Cys	Gln	Leu	Ala	Lys	Thr	Cys	Pro	Val	Gln
	130)					135	,				140	ı			
Leu	Tr	V	al	Asp	Ser	Thr	Pro	Pro	Pro	Gly	Thr	Arg	Val	Arg	Ala	Met
145	i					150					155					160
Ala	Ile	T	`yr	Lys	Gln	Ser	Gln	His	Met	Thr	Glu	Val	Val	Arg	Arg	Cys
					165					170					175	
Pro	His	Н	lis	Glu	Arg	Cys	Ser	Asp	Ser	Asp	Gly	Leu	Ala	Pro	Pro	Gln
				180					185					190		
His	Leu	I	le.	Arg	Val	Glu	Gly	Asn	Leu	Arg	Val	Glu	Tyr	Leu	Asp	Asp
		1	95					200					205			
Arg	Asn	T)	hr :	Phe	Arg	His	Ser	Val	Val	Val	Pro	Tyr	Glu	Pro	Pro	Glu
	210						215					220				
Val	Gly	Se	er .	Asp	Cys	Thr	Thr	Ile	His	Tyr	Asn	Tyr	Met	Cys	Asn	Ser
225						230					235					240
Ser	Cys	Me	et (Gly	Gly	Met	Asn	Arg	Arg	Pro	Ile	Leu	Thr	Ile	Ile	Thr
					245					250					255	
Leu	Glu	As	sp S	Ser	Ser	Glv	Asn	Len	Leu	Glv	Ara	Aen	Ser	Phe	Glu	Val

26	0		265		270
His Val Cys Al	a Cys Pro	Gly Arg	g Asp Arg	Arg Thr Glu	Glu Glu Asn
275		280)	285	
Leu Arg Lys Ly	s Gly Glu	Pro His	His Glu	Leu Pro Pro	Gly Ser Thr
290		295		300	
Lys Arg Ala Le	u Pro Asn	Asn Thr	Ser Ser	Ser Pro Gln	Pro Lys Lys
305	310			315	320
Lys Pro Leu As	p Gly Glu	Tyr Phe	Thr Leu	Gln Ile Arg	Gly Arg Glu
	325		330		335
Arg Phe Glu Me	t Phe Arg	Glu Leu	Asn Glu	Ala Leu Glu	Leu Lys Asp
34	0		345		350
Ala Gln Ala Gl	y Lys Glu	Pro Gly	Gly Ser	Arg Ala His	Ser Ser His
355		360		365	
Leu Lys Ser Lys	s Lys Gly	Gln Ser	Thr Ser	Arg His Lys	Lys Leu Met
370		375		380	
Phe Lys Thr Glu	Gly Pro	Asp Ser	Asp	•	
385	390				
<210> 2					
<211> 1675					
<212> PRT					
<213> Homo sar	iens				
<400> 2					
Met Ala Gln Ile	Leu Pro	Ile Arg	Phe Gln	Glu His Leu	Gln Leu Gln
1	5		10		15
Asn Leu Gly Ile	Asn Pro	Ala Asn	Ile Gly	Phe Ser Thr	Leu Thr Met
20			25		30
Glu Ser Asp Lys	Phe Ile	Cys Ile	Arg Glu l	Lys Val Gly	Glu Gln Ala
35		40		45	
Gln Val Val Ile	Ile Asp l	Met Asn	Asp Pro	Ser Asn Pro	Ile Arg Arg

1	4	
- {		

	50	-				55					60				
Pro	Ile	e Se	r Al	a Ası	Ser	Ala	Ιle	e Met	t Ası	n Pro	o Ala	a Sei	Lys	. Val	Ile
65					70					75					80
Ala	Leu	ı Ly:	s Ala	a Gly	y Lys	Thr	Leu	Glr	ı Ile	e Phe	e Asr	ı Ile	Glu	ı Met	Lys
				85					90					95	
Ser	Lys	Met	t Lys	s Ala	His	Thr	Met	Thr	Asp	Asp	Val	Thr	Phe	Trp	Lys
			100)				105	;				110	ı	
Trp	Ile	Sei	: Lei	ı Asn	Thr	Val	Ala	Leu	Val	Thr	· Asp	Asn	Ala	Val	Tyr
		115					120					125			•
His	Trp	Ser	Met	Glu	Gly	Glu	Ser	Gln	Pro	Val	Lys	Met	Phe	Asp	Arg
	130					135					140	t			
His	Ser	Ser	Leu	Ala	Gly	Cys	Gln	Ile	Ile	Asn	Tyr	Arg	Thr	Asp	Ala
145					150					155					160
Lys	Gln	Lys	Trp	Leu	Leu	Leu	Thr	Gly	Ile	Ser	Ala	Gln	Gln	Asn	Arg
				165					170					175	
Val	Val	Gly	Ala	Met	Gln	Leu	Tyr	Ser	Val	Asp	Arg	Lys	Val	Ser	Gln
			180					185					190		
Pro	Ile	Glu	Gly	His	Ala	Ala	Ser	Phe	Ala	Gln	Phe	Lys	Met	Glu	Gly
		195					200					205			
Asn	Ala	Glu	Glu	Ser	Thr	Leu	Phe	Cys	Phe	Ala	Val	Arg	Gly	Gln	Ala
	210					215					220				
Gly	Gly	Lys	Leu	His	Ile	Ile	Glu	Val	Gly	Thr	Pro	Pro	Thr	Gly	Asn
225					230					235					240
Gln	Pro	Phe	Pro	Lys	Lys	Ala	Val	Asp	Val	Phe	Phe	Pro	Pro	Glu	Ala
				245					250					255	
Gln	Asn .	Asp	Phe	Pro	Val.	Alai	Met	Gln	Ile	Ser	Glu	Lys	His	Asp	Val
			260					265					270		
Val 1	Phe :	Leu	Ile	Thr	Lys '	Tyr (Gly '	Tyr	Ile	His	Leu	Tyr	Asp :	Leu (Glu
•	:	275				2	280					285			

Th	r Gl	y Th	ır Cy	s Il	е Ту	r Me	t Ası	n Ar	g Il	e Ser	Gly	Glu	ı Thi	: Ile	Phe
	29	0				29	5				300)			
Va	l Th	r Al	a Pr	o Hi	s Glı	u Ala	a Thi	r Ala	a Gly	y Ile	lle	Gly	Val	. Asr	Arg
30	5				310)				315	•				320
Ly	s Gl	y Gl	n Va	l Le	u Sei	r Vai	l Cys	s Val	l GIı	ı Glu	Glu	Asn	Ile	lle	Pro
				32	5				330)			,	335	
Ty	r Il	e Th	r Ası	n Vai	l Lei	ı Glr	ı Asr	1 Pro	Ası	Leu	Ala	Leu	Arg	Met	Ala
			34	0				345	5				350		
Va]	l Ar	g As	n Ası	n Lei	ı Ala	Gly	, Ala	Glu	Glu	ı Leu	Phe	Ala	Arg	Lys	Phe
		35	5				360)				365			
Asn	ı Ala	a Lei	u Phe	e Ala	a Gln	Gly	Asn	Tyr	Ser	Glu	Ala	Ala	Lys	Val	Ala
	370					375					380				
Ala	ı Asr	ı Ala	a Pro	Lys	Gly	Ile	Leu	Arg	Thr	Pro	Asp	Thr	Ile	Arg	Arg
385	•				390					395					400
Phe	Glr	Se ₁	· Val	Pro	Ala	Gln	Pro	Gly	Gln	Thr	Ser	Pro	Leu	Leu	Gln
				405					410					415	
Tyr	Phe	Gly	lle	Leu	Leu	Asp	Gln	Gly	Gln	Leu	Asn	Lys	Tyr	Glu	Ser
			420					425					430		
Leu	Glu	Leu	Cys	Arg	Pro	Val	Leu	Gln	Gln	Gly	Arg	Lys	Gln	Leu	Leu
		435					440					445			
Glu	Lys	Trp	Leu	Lys	Glu	Asp	Lys	Leu	Glu	Cys	Ser	Glu	Glu	Leu	Gly
	450					455					460				
Asp	Leu	Val	Lys	Ser	Val	Asp	Pro	Thr	Leu	Ala	Leu	Ser	Val [*]	Tyr	Leu
465					470					475					480
Arg	Ala	Asn	Val	Pro	Asn	Lys	Val	Ile	Gln	Cys	Phe .	Ala	Glu	Thr	Gly
				485					490					495	
Gln	Val	Gln	Lys	Ile	Val	Leu	Tyr	Ala	Lys	Lys '	Val (Gly '	Tyr	Thr	Pro
			500					505					510		
Asp	Trp	Ile	Phe	Leu	Leu	Arg	Asn	Val	Met	Arg :	Ile S	Ser 1	Pro .	Asp (Gln

		515	5				520)				525			
Gly	Gln	Glr	n Phe	Ala	a Glr	Met	Leu	. Val	Gln	ı Asp	Glu	Glu	Pro	Leu	Ala
	530					535					540				
Asp	Ile	Thr	Gln	Ile	· Val	Asp	Val	Phe	Met	Glu	Tyr	Asn	Leu	Ile	Gln
545	,				550)				555					560
Gln	Cys	Thr	Ala	Phe	Leu	Leu	Asp	Ala	Leu	Lys	Asn	Asn	Arg	Pro	Ser
				565	j				570)				575	
Glu	Gly	Pro	Leu	Gln	Thr	Arg	Leu	Leu	Glu	Met	Asn	Leu	Met	His	Ala
			580					585					590		
Pro	Gln	Val	Ala	Asp	Ala	Ile	Leu	Gly	Asn	Gln	Met	Phe	Thr	His	Tyr
		595					600					605			
Asp	Arg	Ala	His	Ile	Ala	Gln	Leu	Cys	Glu	Lys	Ala	Gly	Leu	Leu	Gln
	610					615					620				
Arg	Ala	Leu	Glu	His	Phe	Thr	Asp	Leu	Tyr	Asp	Ile	Lys	Arg	Ala	Val
625					630					635					640
Val	His	Thr	His	Leu	Leu	Asn	Pro	Glu	Trp	Leu	Val	Asn	Tyr	Phe	Gly
				645					650					655	
Ser	Leu	Ser	Val	Glu	Asp	Ser	Leu	Glu	Cys	Leu	Arg	Ala	Met	Leu	Ser
			660					665					670		
Ala	Asn		Arg	Gln	Asn	Leu	Gln	Ile	Cys	Val	Gln	Val	Ala	Ser	Lys
_		675					680					685			
Tyr		Glu	Gln	Leu	Ser		Gln	Ser	Leu	Ile	Glu	Leu	Phe	Glu	Ser
D.I	690	0	.			695					700				
	Lys	Ser	Phe	Glu		Leu	Phe	Tyr	Phe		Gly	Ser	Ile	Val	Asn
705	C	01		D	710					715					720
Pne	Ser	Gin	Asp		Asp	Val	His	Phe		Tyr	Ile	Gln			Cys
T	ТL	C1-	C1	725		01	• •	0.1	730		_			735	_
Lys	ınr	GIÀ		пе	Lys	Glu			Arg	Ile	Cys .			Ser	Asn
			740					745					750		

Cys	Tyr	Asp	Pro	Glu	Arg	: Val	Lys	Asn	Phe	Leu	Lys	Glu	Ala	Lys	Leu
		755		•			760					765	•		
Thr	Asp	Gln	Leu	Pro	Leu	Ile	Ile	Val	Cys	Asp	Arg	Phe	Asp	Phe	Val
	770					775					780				
His	Asp	Leu	Val	Leu	Tyr	Leu	Tyr	Arg	Asn	Asn	Leu	Gln	Lys	Tyr	Ile
785					790					795					800
Glu	Ile	Tyr	Val	Gln	Lys	Val	Asn	Pro	Ser	Arg	Leu	Pro	Val	Val	Ile
				805					810	•				815	
Gly	Gly	Leu	Leu	Asp	Val	Asp	Cys	Ser	Glu	Asp	Val	Ile	Lys	Asn	Leu
			820					825					830		
Ile	Leu	Val	Val	Arg	Gly	Gln	Phe	Ser	Thr	Asp	Glu	Leu	Val	Ala	Glu
		835					840					845			
Val	Glu	Lys	Arg	Asn	Arg	Leu	Lys	Leu	Leu	Leu	Pro	Trp	Leu	Glu	Ala
	850					855					860				
Arg	Ile	His	Glu	Gly	Cys	Glu	Glu	Pro	Ala	Thr	His	Asn	Ala	Leu	Ala
865					870					875					880
Lys	Ile	Tyr	Ile	Asp	Ser	Asn	Asn	Asn	Pro	Glu	Arg	Phe	Leu	Arg	Glu
				885					890					895	
Asn	Pro	Tyr	Tyr	Asp	Ser	Arg	Val	Val	Gly	Lys	Tyr	Cys	Glu	Lys	Arg
			900					905					910		
Asp	Pro	His	Leu	Ala	Cys	Val	Ala	Tyr	Glu	Arg	Gly	Gln	Cys	Asp	Leu
		915					920					925			
Glu	Leu	Ile	Asn	Val	Cys	Asn	Glu	Asn	Ser	Leu	Phe	Lys	Ser	Leu	Ser
	930					935					940				
Arg	Tyr	Leu	Val	Arg	Arg	Lys	Asp	Pro	Glu	Leu	Trp	Gly	Ser	Val	Leu
945			•		950					955					960
Leu	Glu	Ser	Asn	Pro	Tyr	Arg	Arg	Pro	Leu	Ile	Asp	Gln	Val	Val	Gln
				965					970					975	
Thr	Ala	Leu	Ser	Glu	Thr	Gln	Asn	Pro	Glu	Glu	Val	Ser	Val	Thr	Val

4	

980	985	990
Lys Ala Phe Met Thr Ala	Asp Leu Pro Asn Glu	Leu Ile Glu Leu Leu
995	1000	1005
Glu Lys Ile Val Leu Asp	Asn Ser Val Phe Ser	Glu His Arg Asn
1010	1015	1020
Leu Gln Asn Leu Leu Ile	e Leu Thr Ala Ile Lys	Ala Asp Arg Thr
1025	1030	1035
Arg Val Met Glu Tyr Ile	e Asn Arg Leu Asp Asn	Tyr Asp Ala Pro
1040	1045	1050
Asp Ile Ala Asn Ile Ala	ı Ile Ser Asn Glu Leu	Phe Glu Glu Ala
1055	1060	1065
Phe Ala Ile Phe Arg Lys	Phe Asp Val Asn Thr	Ser Ala Val Gln
1070	1075	1080
Val Leu Ile Glu His Ile	Gly Asn Leu Asp Arg	Ala Tyr Glu Phe
1085	1090	1095
Ala Glu Arg Cys Asn Glu	Pro Ala Val Trp Ser	Gln Leu Ala Lys
1100	1105	1110
Ala Gln Leu Gln Lys Gly	Met Val Lys Glu Ala	Ile Asp Ser Tyr
1115	1120	1125
Ile Lys Ala Asp Asp Pro	Ser Ser Tyr Met Glu	Val Val Gln Ala
1130	1135	1140
Ala Asn Thr Ser Gly Asn	Trp Glu Glu Leu Val	Lys Tyr Leu Gln
1145	1150	1155
Met Ala Arg Lys Lys Ala	Arg Glu Ser Tyr Val	Glu Thr Glu Leu
1160		1170
Ile Phe Ala Leu Ala Lys	Thr Asn Arg Leu Ala	Glu Leu Glu Glu
1175		1185
Phe Ile Asn Gly Pro Asn	Asn Ala His Ile Gln	Gln Val Gly Asp
1190	1195	1200



Arg	g Cys	Туз	r Asp	Glu	Lys	Met	Tyı	Ası	o Ala	a Ala	Lys	Lei	ı Let	ı Tyr	
	1205	5				1210)				121	5			
Asn	ı Asn	Val	l Ser	Asn	Phe	Gly	Arg	g Leu	ı Ala	Ser	Thr	Lei	ı Val	His	
	1220)				1225	5				1230	0			
Leu	Gly	Glu	ı Tyr	Gln	Ala	Ala	Val	Asp	Gly	Ala	Arg	Lys	s Ala	Asn	
	1235	5				1240)				1245	5			
Ser	Thr	Arg	Thr	Trp	Lys	Glu	Val	Cys	Phe	Ala	Cys	Val	Asp	Gly	
	1250)				1255	;				1260)			
Lys	Glu	Phe	Arg	Leu	Ala	Gln	Met	Cys	Gly	Leu	His	Ιlε	: Val	Val	
	1265	•				1270)				1275	5			
His	Ala	Asp	Glu	Leu	Glu	Glu	Leu	Ile	Asn	Tyr	Tyr	Gln	Asp	Arg	
	1280	ı				1285					1290)			
Gly	Tyr	Phe	Glu	Glu	Leu	Ile	Thr	Met	Leu	Glu	Ala	Ala	Leu	Gly	
	1295					1300					1305	•			
Leu	Glu	Arg	Ala	His	Met	Gly	Met	Phe	Thr	Glu	Leu	Ala	Ile	Leu	
	1310					1315					1320)			
Tyr	Ser	Lys	Phe	Lys	Pro	Gln	Lys	Met	Arg	Glu	His	Leu	Glu	Leu	
	1325					1330					1335				
Phe	Trp	Ser	Arg	Val	Asn	Ile	Pro	Lys	Val	Leu	Arg	Ala	Ala	Glu	
	1340					1345					1350				
Gln	Ala	His	Leu	Trp	Ala	Glu	Leu	Val	Phe	Leu	Tyr	Asp	Lys	Tyr	
	1355					1360					1365				
Glu	Glu	Tyr	Asp	Asn	Ala	Ile	Ile	Thr	Met	Met	Asn	His	Pro	Thr	
	1370					1375					1380				
Asp	Ala	Trp	Lys	Glu			Phe	Lys	Asp	Ile	Ile	Thr	Lys	Val	
	1385					1390					1395				
	Asn		Glu :	Leu '			Arg	Ala	Ile	Gln	Phe	Tyr	Leu	Glu	
	1400		_			1405					1410				
Phe	Lys	Pro	Leu l	Leu I	Leu	Asn	Asp	Leu	Len	Met	Va I	Tán	Ser	Pro	

	141	1415			142	1420					1425			
Arg	g Leu	Ası	His	s Thi	Arg	g Ala	Val	Asn	. Tyr	Phe	Ser	Lys	s Val	Lys
	1430)				143	5				1440)		
Glr	Leu	Pro	Lei	ı Val	Lys	Pro	Tyr	Leu	Arg	Ser	Val	Glr	a Asn	His
	1445	5				1450)				1455	5		
Asn	Asn	Lys	Ser	· Val	Asn	Glu	Ser	Leu	Asn	Asn	Leu	Phe	lle	Thr
	1460)				1465	5				1470)		
Glu	Glu	Asp	Tyr	Gln	Ala	Leu	Arg	Thr	Ser	Ile	Asp	Ala	Tyr	Asp
	1475	;				1480)				1485	,		
Asn	Phe	Asp	Asn	Ile	Ser	Leu	Ala	Gln	Arg	Leu	Glu	Lys	His	Glu
	1490	ı				1495	5				1500)		
Leu	Ile	Glu	Phe	Arg	Arg	Ile	Ala	Ala	Tyr	Leu	Phe	Lys	Gly	Asn
	1505					1510)			•	1515			
Asn	Arg	Trp	Lys	Gln	Ser	Val	Glu	Leu	Cys	Lys	Lys	Asp	Ser	Leu
	1520					1525	ı				1530			
Tyr	Lys	Asp	Ala	Met	Gln	Tyr	Ala	Ser	Glu	Ser	Lys	Asp	Thr	Glu
	1535					1540					1545			
Leu	Ala	Glu	Glu	Leu	Leu	Gln	Trp	Phe	Leu	Gln	Glu	Glu	Lys	Arg
	1550					1555					1560			
Glu	Cys	Phe	Gly	Ala	Cys	Leu	Phe	Thr	Cys	Tyr	Asp	Leu	Leu	Arg
	1565					1570					1575			
Pro	Asp	Val	Val	Leu	Glu	Thr	Ala	Trp	Arg	His	Asn	Ile	Met	Asp
	1580					1585					1590			
Phe	Ala	Met	Pro	Tyr	Phe	Ile	Gln	Val	Met	Lys	Glu	Tyr	Leu	Thr
	1595					1600					1605			
Lys	Val	Asp	Lys	Leu	Asp	Ala	Ser	Glu	Ser	Leu	Arg	Lys	Glu	Glu
	1610					1615					1620			
Glu	Gln	Ala	Thr	Glu	Thr	Gln	Pro	Ile	Val '	Tyr	Gly	Gln	Pro	Gln
	1625					1630					1635			

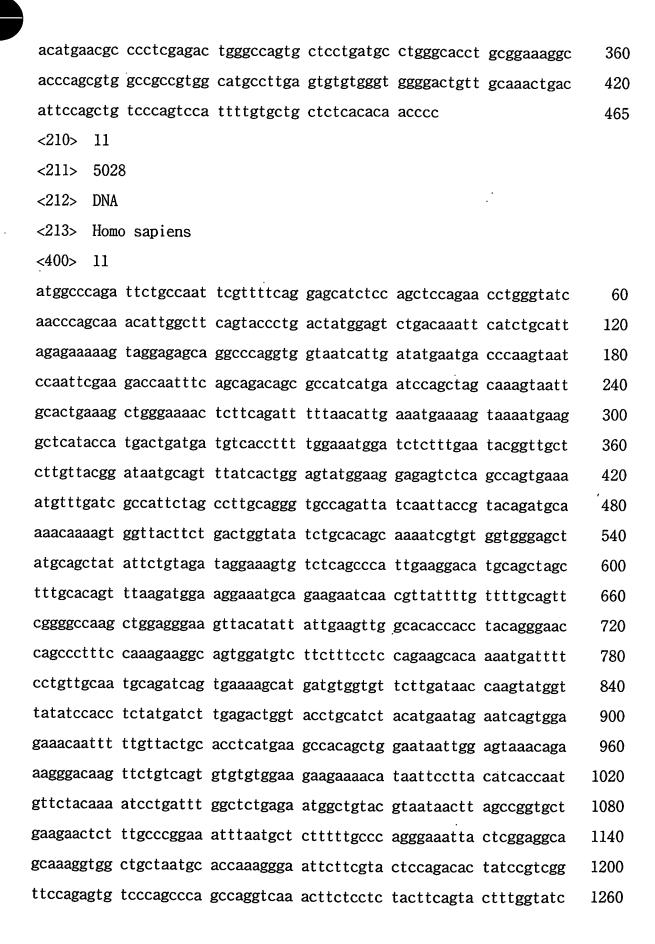
```
Leu Met Leu Thr Ala Gly Pro Ser Val Ala Val Pro Pro Gln Ala
     1640
                          1645
                                               1650
Pro Phe Gly Tyr Gly Tyr Thr Ala Pro Pro Tyr Gly Gln Pro Gln
     1655
                          1660
                                              1665
Pro Gly Phe Gly Tyr Ser Met
    1670
                          1675
 <210> 3
<211> 18
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 3
Leu His Ile Ile Glu Val Gly Thr Pro Pro Thr Gly Asn Gln Pro Phe
1
                5
                                    10
                                                        15
Pro Lys
<210> 4
<211>
       12
<212> PRT
<213>
      Homo sapiens
<400> 4
Ile Val Leu Asp Asn Ser Val Phe Ser Glu His Arg
1
                5
                                    10
<210> 5
<211> 9
<212>
      PRT
<213>
      Homo sapiens
<400>
     5
Val Ala Asn Val Glu Leu Tyr Tyr Arg
1
                5
```

```
<210> 6
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 6
 Gln Leu Pro Leu Val Lys Pro Tyr Leu Arg
 1
                5
                                    10
 <210> 7
 <211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 7
Val Asp Lys Leu Asp Ala Ser Glu Ser Leu Arg
1
                5
                                    10
<210> 8
<211> 9
<212> PRT
<213> artificial sequence
<220>
<223> flag
<400> 8
Gly Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Lys
1
               5
<210> 9
<211> 1182
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 9
atggaggagc cgcagtcaga tcctagcgtc gagccccctc tgagtcagga aacattttca
```

60



•	
gacctatgga aactacttcc tgaaaacaac gttctgtccc ccttgccgtc ccaagcaatg	120
gatgatttga tgctgtcccc ggacgatatt gaacaatggt tcactgaaga cccaggtcca	180
gatgaagete ceagaatgee agaggetget eeeegegtgg eeeetgeace ageageteet	240
acaccggcgg cccctgcacc agccccctcc tggcccctgt catcttctgt cccttcccag	300
aaaacctacc agggcagcta cggtttccgt ctgggcttct tgcattctgg gacagccaag	360
tctgtgactt gcacgtactc ccctgccctc aacaagatgt tttgccaact ggccaagacc	420
tgccctgtgc agctgtgggt tgattccaca ccccgcccg gcacccgcgt ccgcgccatg	480
gccatctaca agcagtcaca gcacatgacg gaggttgtga ggcgctgccc ccaccatgag	540
cgctgctcag atagcgatgg tctggcccct cctcagcatc ttatccgagt ggaaggaaat	600
ttgcgtgtgg agtatttgga tgacagaaac acttttcgac atagtgtggt ggtgccctat	660
gagccgcctg aggttggctc tgactgtacc accatccact acaactacat gtgtaacagt	720
tcctgcatgg gcggcatgaa ccggaggccc atcctcacca tcatcacact ggaagactcc	780
agtggtaatc tactgggacg gaacagcttt gaggtgcatg tttgtgcctg tcctgggaga	840
gaccggcgca cagaggaaga gaatctccgc aagaaagggg agcctcacca cgagctgccc	900
ccagggagca ctaagcgagc actgcccaac aacaccagct cctctcccca gccaaagaag	960
aaaccactgg atggagaata tttcaccctt cagatccgtg ggcgtgagcg cttcgagatg	1020
ttccgagagc tgaatgaggc cttggaactc aaggatgccc aggctgggaa ggagccaggg	1080
gggagcaggg ctcactccag ccacctgaag tccaaaaagg gtcagtctac ctcccgccat	1140
aaaaaaactca tgttcaagac agaagggcct gactcagact ga	1182
<210> 10	
<211> 465	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 10	
ccatttcctc agagaacacg gcccccttgg gccaaaagga catgaagaag ctcttgctaa	60
tgccagcctg gctctcctca tcccgccccc tgcacccctg cccttctggc tgccctccct	120
tetectaget etgtecete teaetteagg agteteaagt cetteagaet acteeaaagt	180
cgggggatct ctggatgggt aggaggtgat ctcaccgcct cctctcttgc ccgggcttgt	240
cgagatgaac ttcctgatgc tggcggcgct gaagctgaca ctagcggggg cacctcctg	300
-	





cttttggacc agggacagct caacaaatac gaatccttag agctttgtag gcctgtactt 1320 cagcaagggc gaaaacagct tttggagaaa tggttaaaag aagataagct ggaatgttct 1380 gaagaactgg gtgatcttgt gaaatctgtg gaccctacat tggcacttag tgtgtaccta 1440 agggctaacg tcccaaataa agtcattcag tgctttgcag aaacaggtca agtccaaaag 1500 attgttttat atgctaaaaa agttggatac actccagatt ggatatttct gctgagaaat 1560 gtaatgcgaa tcagtccaga tcagggacag cagtttgccc aaatgttagt tcaagatgaa 1620 gagcctcttg ctgacatcac acagattgta gatgtcttta tggaatacaa tctaattcag 1680 cagtgtactg cattcttgct tgatgctctg aagaataatc gcccatctga aggtccttta 1740 cagacgcggt tacttgagat gaaccttatg catgcgcctc aagttgcaga tgctattcta 1800 ggcaatcaga tgttcacaca ttatgaccgg gctcatattg ctcaactgtg tgaaaaggct 1860 ggcctactgc agcgtgcatt agaacatttc actgatttat atgatataaa acgtgcagtg 1920 gttcacaccc atcttcttaa ccctgagtgg ttagtcaact actttggttc cttatcagta 1980 gaagactccc tagaatgtct cagagccatg ctgtctgcca acatccgtca gaatctgcag 2040 atttgtgttc aggtggcttc taaatatcat gaacaactgt caactcagtc tctgattgaa 2100 ctttttgaat ctttcaagag ttttgaaggt ctcttttatt ttctgggatc cattgttaac 2160 tttagccagg acccagatgt gcactttaaa tatattcagg cagcttgcaa gactgggcaa 2220 atcaaagaag tagaaagaat ctgtagagaa agcaactgct acgatcctga gcgagtcaag 2280 aattttctta aggaagcaaa actaacagat cagctaccac ttatcattgt gtgtgatcga 2340 tttgactttg tccatgattt ggtgctctat ttatatagaa ataatcttca aaagtatata 2400 gagatatatg tacagaaggt gaatccaagt cgacttcctg tagttattgg aggattactt 2460 gatgttgact gttctgaaga tgtcataaaa aacttgattc ttgttgtaag aggtcaattc 2520 tctactgatg agcttgttgc tgaggttgaa aaaagaaaca gattgaaact gcttctgcct 2580 tggctagagg ccagaattca tgagggctgt gaggagcctg ctactcacaa tgccttagcc 2640 aaaatctaca tagacagtaa taacaacccg gagagatttc ttcgtgaaaa tccctactat 2700 gacagtcgcg ttgttggaaa gtattgtgag aagagagatc cacatctggc ctgtgttgct 2760 tatgaacgtg gccaatgtga tctggaactt attaatgttt gcaatgagaa ttccctcttc 2820 aaaagtettt etegetaeet ggtaegtega aaggateeag aattgtgggg eagegtgetg 2880 ctggaaagca atccttacag gagaccccta attgaccagg ttgtacaaac agctttgtct 2940 gagactcagg accctgaaga agtgtcagta actgtaaagg ctttcatgac tgcagacctt 3000



cctaatgaac tcattgaact gctggagaaa attgtccttg ataactctgt attcagtgaa 3060 cacaggaatc tgcaaaacct ccttatcctc actgcaatta aggctgaccg tacacgtgtt 3120 atggagtata ttaaccgcct ggataattat gatgccccag atattgccaa tatcgccatc 3180 agcaatgagc tgtttgaaga agcatttgcc attttccgga aatttgatgt caatacttca 3240 gcagttcagg tcttaattga gcatattgga aacttggatc gggcatatga gtttgctgaa 3300 cgttgcaatg aacctgcggt ctggagtcaa cttgcaaaag cccagttgca gaaaggaatg 3360 gtgaaagaag ccattgattc ttatatcaaa gcagatgatc cttcctccta catggaagtt 3420 gttcaggctg ccaatactag tggaaactgg gaagaactgg tgaagtactt gcagatggcc 3480 cgtaagaagg ctcgagagtc ctatgtggag acagaactga tattcgcact ggctaaaaca 3540 aaccgccttg cagagttaga agaatttatc aatggaccaa ataatgctca tatccaacaa 3600 gttggtgacc gttgttatga tgaaaaaatg tatgatgctg ctaagttgtt gtacaataat 3660 gtttccaatt ttggacgttt ggcatctacc ctggttcacc tgggtgaata tcaggcagct 3720 gttgatgggg ctaggaaagc taacagtact cgaacatgga aagaggtctg cttcgcctgt 3780 gtagatggga aagaattccg tcttgctcag atgtgtggac ttcatattgt tgtacatgca 3840 gatgaattag aagaacttat caactactat caggatcgtg gctattttga agagctgatc 3900 accatgttgg aagcagcact gggacttgag cgagctcaca tgggaatgtt tactgaatta 3960 gctattctat actctaaatt taagcctcag aaaatgaggg agcacctgga gctgttctgg 4020 tctagagtga atattcccaa ggtgctaaga gctgcagaac aagctcatct ttgggcagaa 4080 ctggtgtttt tgtatgacaa gtatgaagaa tatgataatg ccataattac catgatgaat 4140 catccaactg atgcctggaa agaagggcaa ttcaaagata tcattaccaa ggttgccaat 4200 gtggaactat actacagagc aatacagttc tacttagaat tcaagcctct gttgttaaat 4260 gatttgctga tggtgctgtc tccacggttg gatcacactc gtgcagtcaa ttatttcagc 4320 aaggttaaac agctaccact ggtgaaaccg tatttgcgtt cagttcagaa ccataacaac 4380 aaatctgtga atgaatcatt gaacaatctt tttattacag aagaagatta tcaggctctg 4440 cgaacatcaa tagatgctta tgacaacttt gacaatatct cgcttgctca gcgtttggaa 4500 aaacatgaac tcattgagtt caggagaatt gctgcttatc tcttcaaagg caacaatcgc 4560 tggaaacaga gtgtagagct gtgcaagaaa gacagccttt acaaggatgc aatgcagtat 4620 gcttctgaat ctaaagatac tgaattggct gaagaactcc tgcagtggtt tttgcaggaa 4680 gaaaaaagag agtgctttgg agcttgtctg tttacctgtt acgatctttt aaggccagat 4740



gtcgtcctag aaactgcatg gaggcacaat atcatggatt ttgccatgcc ctatttcatc 4800 caggtcatga aggagtactt gacaaaggtg gataaattag atgcttcaga atcactgaga 4860 aaagaagaag aacaagctac agagacacaa cccattgttt atggtcagcc ccagttgatg 4920 ctgacagcag gacccagtgt tgccgtccct ccccaggcac cttttggtta tggttatacc 4980 gcaccaccgt atggacagcc acagcctggc tttgggtaca gcatgtga 5028

【図面の簡単な説明】

【図1】

クラスリン重鎖による p 5 3 A I P 1 の転写活性の制御を示す概念図である。

【図2】

pc-p53-fベクターの構造を示す図である。

【図3】

p53AIP1. pro. reporterベクターの構造を示す図である。

【図4】

pc-CHCベクターの構造を示す図である。

【図5】

発現ベクター(pcDNA-p53-f)をヒト骨肉腫由来細胞にトランスフェクトし、そのp53A1P1プロモーターからの転写能を示す図である。

【図6】

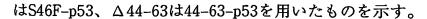
発現ベクター(pcDNA3.1、pcDNA-p53-f)をヒト非小肺がん由来細胞にトランスフェクトした細胞抽出物のSDS-PAGE(銀染色)を示す図である。

【図7】

発現ベクター(pcDNA-p53-f)をヒト非小肺がん由来細胞にトランスフェクトした細胞抽出物の抗クラスリン重鎖抗体及び抗p53抗体によるウエスタンブロットを示す図である。図中、WTはWT-p53、46AはS46A-p53、46DはS46D-p53、46FはS46F-p53、444-63は44-63-p53を用いたものを示す。

【図8】

発現ベクター(pcDNA3.1、pcDNA-p53-f)をヒト非小肺がん由来細胞にトランスフェクトした細胞の細胞質及び核抽出物に対し、抗クラスリン重鎖抗体を用いたウエスタンブロットを示す図である。図中、pcDNAはpcDNA3.1、WTはWT-p53、46F



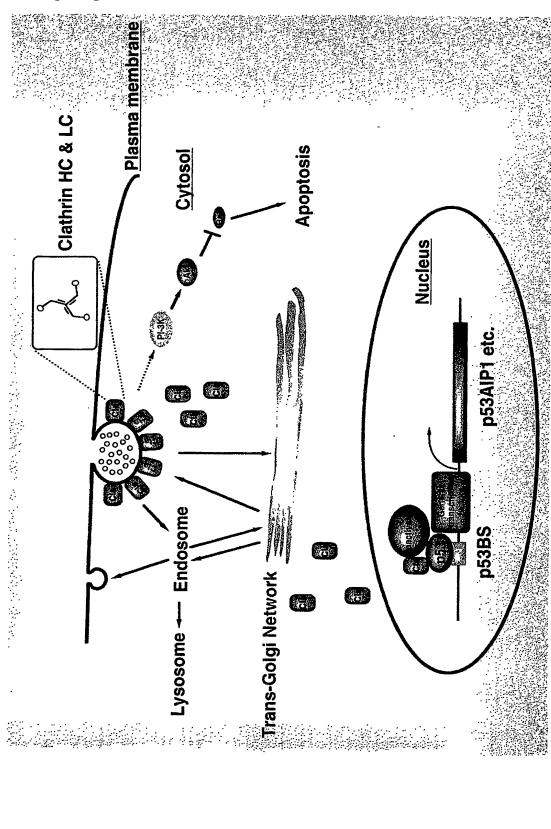
【図9】

クラスリン重鎖の c D N A を入れた発現ベクター(pc-CHC)と p 5 3 発現ベクター(pcDNA-p53-f)を共にヒト骨肉腫由来細胞にトランスフェクトし、その細胞抽出物を調べた結果を示す図である。図中、Clathrin HCはpc-CHC、WTはWT-p53、S46FはS46F-p53、 Δ 44-63は44-63-p53を用いたものを示す。

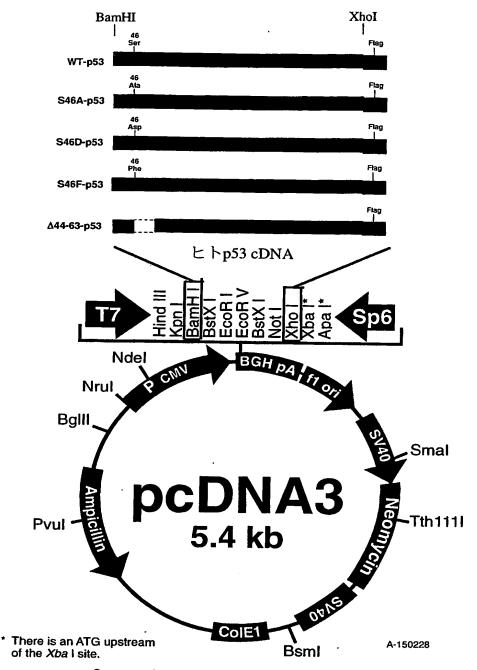


【書類名】 図面

【図1】



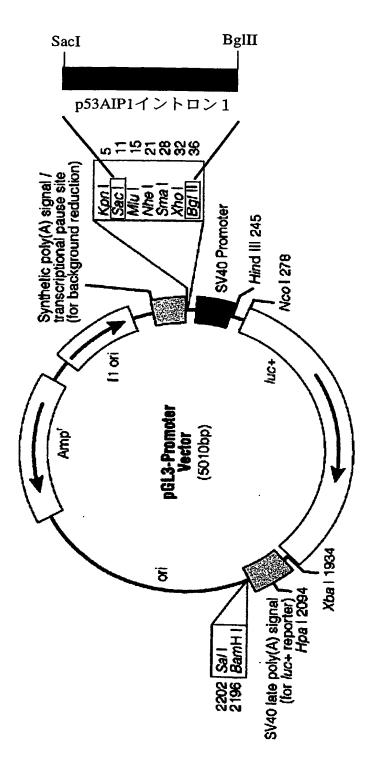
【図2】



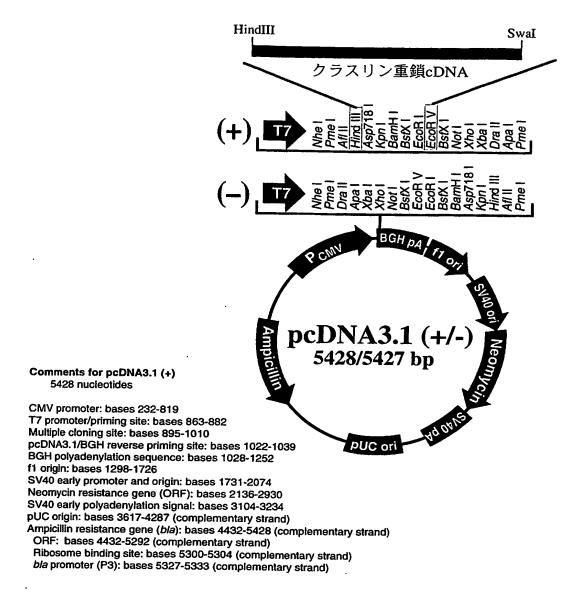
Comments for pcDNA3: 5446 nucleotides CMV promoter: bases 209-863 T7 promoter: bases 864-882 Polylinker: bases 889-994 Sp6 promoter: bases 999-1016 BGH poly A: bases 1018-1249

SV40 promoter: bases 1790-2115 SV40 origin of replication: bases 1984-2069 Neomycin ORF: bases 2151-2945 SV40 poly A: bases 3000-3372 ColE1 origin: bases 3632-4305 Ampicillin ORF: bases 4450-5310



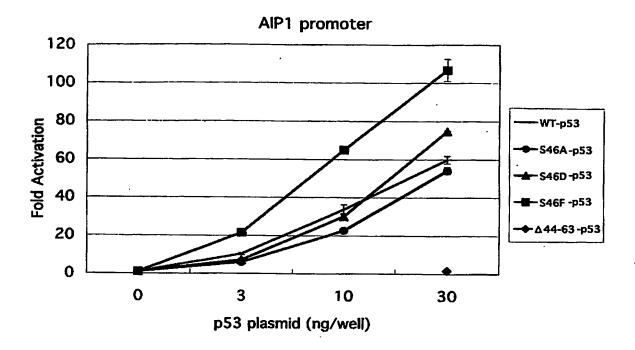






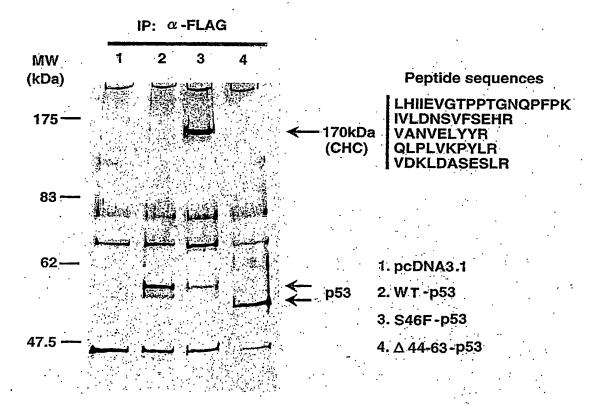




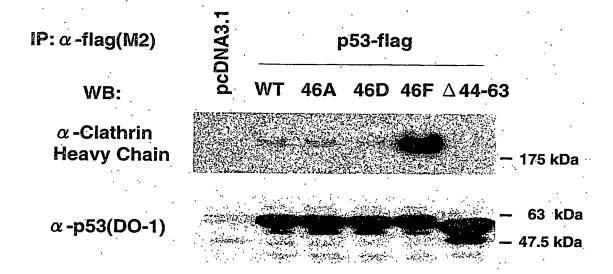


【図6】

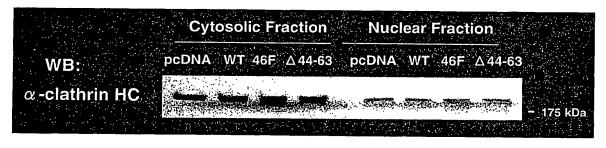
(a) Silver staining



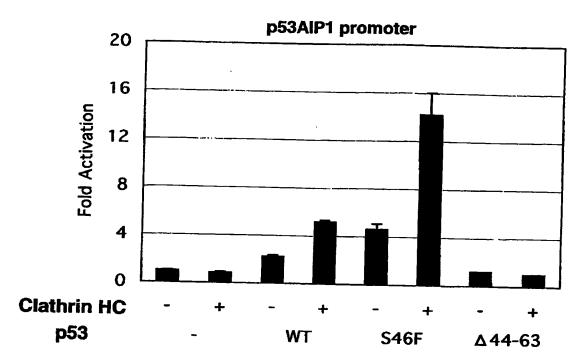




【図8】









要約書

【要約】

【課題】 癌細胞にのみアポトーシスを誘導して死滅させる新しい癌治療の 手段を提供する。

【解決手段】 p53又は1個若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加された変異p53、及びクラスリン重鎖から成る、癌細胞のアポトーシスを誘導する転写因子である。この転写因子は、p53AIP1プロモーターの転写能を高め、癌細胞のアポトーシスを誘導する。

【選択図】 なし

ページ: 1/E

認定・付加情報

特許出願の番号

特願2003-048658

受付番号

5 0 3 0 0 3 0 6 6 9 5

書類名

特許願

担当官

塩野 実

2 1 5 1

作成日

平成15年 ·5月20日

<認定情報・付加情報>

【提出日】

平成15年 2月26日

ページ:

【書類名】 【提出日】

【あて先】

【事件の表示】

【出願番号】

【承継人】

【識別番号】

【住所又は居所】

【氏名又は名称】

【代表者】 【連絡先】

【提出物件の目録】

【物件名】

【援用の表示】

【物件名】

【援用の表示】

出願人名義変更届 (一般承継)

平成15年10月31日 特許庁長官 殿

特願2003-48658

503360115

埼玉県川口市本町四丁目1番8号

独立行政法人科学技術振興機構

沖村 憲樹

〒102-8666 東京都千代田区四番町5-3 独立行政法 人科学技術振興機構 知的財産戦略室 佐々木吉正 TEL 0 3-5214-8486 FAX 03-5214-8417

権利の承継を証明する書面 1

平成15年10月31日付提出の特第許3469156号にかか

る一般承継による移転登録申請書に添付のものを援用する。

登記簿謄本 1

平成15年10月31日付提出の特第許3469156号にかかる一般承継による移転登録申請書に添付のものを援用する。

特願2003-048658

出願人履歴情報

識別番号

[396020800]

1. 変更年月日 [変更理由]

1998年 2月24日

住所

名称変更

住 所 名

埼玉県川口市本町4丁目1番8号

科学技術振興事業団

出願人履歴情報

識別番号

[590001452]

1. 変更年月日 [変更理由]

更理由] 第

住 所氏 名

1990年12月12日

新規登録

東京都中央区築地5丁目1番1号

国立がんセンター総長



出願人履歷情報

識別番号

[503360115]

1. 変更年月日

2003年10月 1日

[変更理由]

新規登録

住 所 名

埼玉県川口市本町4丁目1番8号 独立行政法人 科学技術振興機構